

Ocorrência de hibridação entre tartarugas-tigre-d'água, *Trachemys dorbigni* (Duméril & Bibron, 1835) e tartarugas-americanas, *Trachemys scripta* (Thunberg & Schoepff, 1792) (Testudines, Emydidae).



Figueiredo, PICC^{1,2}; Fagundes, NJR¹

¹Departamento de Genética, UFRGS, Porto Alegre, RS, ²Centro de Estudos Costeiros, Limnológicos e Marinhos (CECLIMAR/IB/UFRGS) Imbé, RS

pedrocampani@gmail.com



INTRODUÇÃO

No Rio Grande do Sul, as populações de *Trachemys dorbigni* estão sendo afetadas pela introdução das subespécies de *T. scripta*: *T. s. elegans* e *T. s. scripta*, nativas da América do Norte. Já existem registros de hibridação entre *T. s. elegans* e outras espécies do gênero *Trachemys* nas Américas Central e do Norte. Este estudo procurou determinar a existência de variações para distinção de híbridos entre *T. dorbigni* e *T. scripta* usando o gene mitocondrial citocromo b (Cytb) e três marcadores nucleares (PRLR, RPL35 e ACA4), além de verificar se a classificação molecular é compatível com as classificações morfológicas descritas para cada espécie.

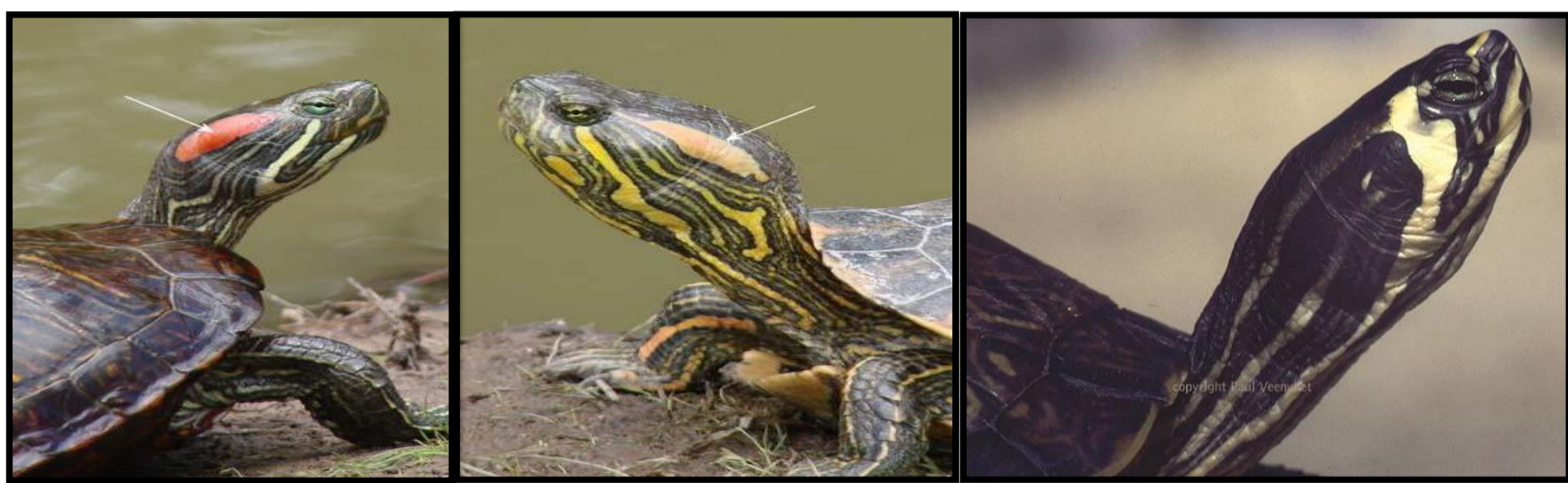


Fig. 1. A) *T. s. elegans*; B) *T. dorbigni*; C) *T. s. scripta*. Os dois primeiros espécimes encontrados na APA Delta do Jacuí, Porto Alegre, RS, Brasil. Fonte: BUJES, 2008. O Terceiro é um exemplar da segunda subespécie exótica com ocorrência no RS.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados 40 indivíduos, os quais eram provenientes do Centro de Reabilitação do CECLIMAR/IB/UFRGS, de Arroio do Sal, Parque Municipal Natural Tupancy e de um criadouro de tartarugas no PR, a Reserva Romanetto. Com base na morfologia, 19 indivíduos foram identificados como *T. dorbigni*, 10 como *T. scripta*, e 12 como possíveis híbridos. Um pequeno fragmento da membrana interdigital foi amostrado para análise genética e o DNA foi extraído utilizando o método do CTAB. A técnica de PCR foi utilizada para amplificar os fragmentos de Cytb e nucleares para cada indivíduo. As amplificações foram checadas em gel de agarose e as amplificações com boa qualidade foram purificadas enzimaticamente (ExoI e SAP) e sequenciadas pelo método de Sanger. As sequências de consenso foram montadas no programa Genious e foram alinhadas no programa Bioedit em conjunto com outras sequências para estas espécies encontradas no GenBank. O programa MEGA5 foi utilizado para estimar a distância genética.



Fig. 2. Características morfológicas em vista ventral e dorsal de *T. dorbigni* (esq.), *T. s. elegans* (centro) e *T. s. scripta* (dir.). Créditos: Pedro Figueiredo

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Apesar das baixas distâncias, todos os marcadores aqui estudados podem inequivocamente discriminar as espécies e demonstrar a existência de hibridismo devido à presença de posições diagnósticas no alinhamento. A maioria dos indivíduos tiveram linhagens genéticas correspondentes à sua classificação morfológica, com exceção de seis espécimes, os quais foram morfológicamente classificados como híbridos mas geneticamente apresentaram linhagens de *T. s. elegans*. Os indivíduos com problemas na classificação podem ser resultantes de retrocruzamento ou cruzamento entre híbridos ou a variação morfológica de *T. s. elegans* pode estar sendo subestimada. A existência de híbridos demonstra que pode haver introgressão na espécie nativa, o que sugere que a liberação ou a fuga de indivíduos exóticos pode afetar a conservação de *T. dorbigni* a longo prazo.



Fig. 3. Características morfológicas observada nos híbridos amostrados no estudo: ocelos no plastrão agrupando-se na linha mediana, linha pós-orbital alaranjada e casco com linhas amarelas que tendem a uma forma elíptica. Crédito: Pedro Figueiredo



Fig. 4. Indivíduo classificado morfológicamente como híbrido em potencial, mas que apresentou genótipo de *Trachemys scripta elegans* nos marcadores avaliados.. Crédito: Pedro Figueiredo

Tabela 1. Sítios variáveis das sequências das espécies estudadas.

		Citocromo B(CytB)														
		Posição														
Espécies		19	27	30	39	47	54	69	82	119	150	153	210	235	357	365
<i>T. dorbigni</i>		C	C	C	T	C	T	C	C	T	C	C	G	C	C	A
<i>T. scripta elegans</i>		T	T	T	C	T	C	T	C	C	T	T	A	T	T	G
<i>T. scripta scripta</i>		T	T	T	C	T	C	T	T	C	T	T	A	T	T	G
Híbridos entre <i>T. d.</i> e <i>T.s.e.</i>		C	C	C	T	C	T	C	C	T	C	C	G	C	C	A

		Posição														
Espécies		391	438	462	463	474	475	544	576	582	600	633	651	657	660	711
<i>T. Dorbigni</i>		C	A	C	C	C	A	G	T	C	A	C	C	C	T	A
<i>T. scripta elegans</i>		T	G	T	A	T	G	A	C	C	C	T	T	T	C	G
<i>T. scripta scripta</i>		T	G	T	A	T	G	G	C	T	C	T	T	T	C	G
Híbridos entre <i>T. d.</i> e <i>T.s.e.</i>		C	A	C	C	C	A	G	T	C	A	C	C	C	T	A

		ACA 4			
		Posições			
Espécies		20	152	166	172
<i>T. dorbigni</i>		G	A	G	G
<i>T. s. elegans</i>		A	T	T	T
<i>T. s. scripta</i>		A	T	T	T
Híbridos entre <i>T. d.</i> e <i>T. s. e.</i>		G/A	A/T	G/T	G/T

		RPL 35				
		Posições				
Espécies		83	273	372	435	209
<i>T. dorbigni</i>		A	C	G	G	T
<i>T. s. elegans</i>		G	A	C	G	C
<i>T. s. scripta</i>		G	A	C	T	C
Híbridos entre <i>T. d.</i> e <i>T. s. e.</i>		A/G	C/A	G/C	G	T/C

		PRLR	
		Posições	
Espécies		85	228
<i>T. dorbigni</i>		C	T
<i>T. s. elegans</i>		C	C
<i>T. s. scripta</i>		T	C
Híbridos entre <i>T. d.</i> e <i>T. s. e.</i>		C	T/C

T. dorbigni (19 espécimes); *T. s. elegans* (8 espécimes); *T. s. scripta* (1 indivíduos) e Híbridos (10 espécimes). Os indivíduos híbridos apresentaram sequência de mtDNA que *T. dorbigni*.